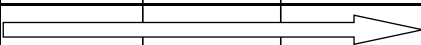


委託プロジェクト研究課題評価個票（終了時評価）

研究課題名	【生産現場強化】 持続可能な養殖・漁業生産技術の開発のうち、海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発			担当開発官等名	研究開発官(環境)
				連携する行政部局	水産庁増殖推進部 研究指導課、漁場資源課、 栽培養殖課 消費・安全局畜水産安全管理課
研究開発の段階	基礎	応用	開発	研究期間	H23～H27（5年間）
				総事業費（億円）	5億円（見込）
研究課題の概要					
<p><委託プロジェクト研究課題全体></p> <ul style="list-style-type: none"> ・赤潮（*1）、貝毒（*2）、魚病（*3）など（以下、「赤潮等」という。）環境由来の漁業被害を軽減するため、海洋微生物群（*4）のモニタリングによる早期の被害発生予測技術及び海洋微生物群を利用した赤潮被害の発生抑制技術を開発する。 <p><課題①：メタゲノム解析（*5）による微生物相（*6）の把握及び環境評価技術の開発（平成23～27年度）></p> <ul style="list-style-type: none"> ・赤潮等の発生予測に利用する指標微生物群を特定するための微生物DNA（*7）のメタゲノムデータベースを作成し、漁場環境評価技術を開発する。 <p><課題②：微生物相に基づく漁業被害の発生予測・抑制技術の開発（平成23～27年度）></p> <ul style="list-style-type: none"> ・赤潮等の早期発生予測技術を開発・実用化するため、課題①から提供されるデータベースを活用し、赤潮等の発生予測及び赤潮の発生抑制技術を開発する。 					
1. 委託プロジェクト研究課題の主な目標					
① 微生物DNAのメタゲノムデータベースを構築し、メタゲノム解析、物理化学環境（*8）、原因プランクトン（*9）密度等のデータを複合的に利用した漁場環境評価技術を開発する。					
② 赤潮等の発生に関連する微生物群を指標とした早期発生予測技術と簡易モニタリングシステムを開発する。また、赤潮抑制細菌等を利用した赤潮被害の発生抑制のための基礎技術を開発する。					
2. 委託プロジェクト研究課題全体としてのアウトカム目標（H28年～）					
				備考	
赤潮発生の直前に出されている予報を3日程度早めることにより早期の対処を可能とし、赤潮被害額を50%以上低減する。				開発成果を赤潮対策等で活用し、公設試・普及機関等への普及を図る。	

【項目別評価】

1. 研究成果の意義

ランク：S

- ・養殖を含む沿岸漁業は、我が国の海面漁業生産量の45%を占め、多様な魚介類を食卓に提供する重要な役割を担っている。
- ・しかし、近年、沿岸漁業が営まれる沿岸漁場（*10）では赤潮等の環境由来の漁業被害が発生し、沿岸漁業経営の安定化、水産物の安定供給の根幹に関わる問題となっている。
- ・平成21～22年に八代海で発生した大規模な赤潮では、ブリ養殖業に約80億円の被害が発生した。国、関係都道府県及び研究機関は連携して赤潮等の被害対策を進めており、生産現場では養殖生け簀の移動や沈下、養殖魚の餌止め、出荷の前倒し等の工夫が行われてきた。
- ・これらの対策の効果をさらに高めるには、早期の発生予測による余裕を持った対処が必要だが、現在行われている海洋環境及び有害プランクトン（*11）量の監視では赤潮被害が発生する直前にしか予報できず、早期の予報を可能とする新たな技術の開発が求められていた。水産基本計画においても赤潮対策に関する研究推進の方針が示されている。
- ・赤潮等による漁業被害を軽減するためには、海洋微生物相のモニタリングによる早期の被害発生予測技術及び海洋微生物相を利用した赤潮被害の発生抑制技術を開発する必要がある。

以上のことから、農林水産業、国民生活のニーズ等の視点からの研究の重要性は高く、国が関与して研究を推進する必要性は非常に高い。

2. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性

ランク：A

① メタゲノム解析による微生物相の把握及び環境評価技術の開発

- ・海洋微生物DNAのメタゲノムデータベースを構築し、ユーザーがオンラインでデータを共有できるシステムを確立するとともに、海水サンプルの分析を進めて登録データを充実させた（平成27年1月29日現在、713件、2,183億塩基）。
- ・異なる海水サンプル間の微生物DNA分布の相違を比較検出するソフトウェア（DDCA）を開発し、メタゲノムデータベースに登録されたデータを用いて環境評価指標となるDNAマーカー（*12）候補を探索するシステムを確立した。
- ・また、塩基配列情報から生物を特定するために有用な種々のソフトウェアを連結して解析パイプライン（*13）を構築することにより、環境変化にตอบสนองして増減する微生物のDNA配列を迅速に検出し、環境評価指標を開発した。

② 生物相に基づく漁業被害の発生予測・抑制技術の開発

- ・主要な赤潮原因藻類5種について、複数種を同時に測定できる定量PCR法を確立した。最も有害な赤潮原因藻類のひとつであるシャットネラ（*14）については、赤潮の予兆を示す3種の微生物を特定した。
- ・赤潮の発生に関連する微生物群の簡易モニタリングシステムとして、①から得られた赤潮発生の指標候補となる微生物DNAから簡易モニタリングに有用な領域を絞り込むソフトウェア及びシャットネラを検出するDNAチップ（*15）を開発した。課題終了までにシャットネラ赤潮等の予兆となる微生物を検出するチップを開発する予定。
- ・シャットネラを殺藻する細菌として、*Alteromonas* sp.株に注目し、定量PCR法を開発するとともに殺藻時に発現する遺伝子を特定した。この方法を活用することによって、殺藻能力の高い2種の細菌が沿岸のアマモ場に多く見られることを明らかにし、アマモ場の保全と造成が赤潮被害の発生抑制に有効であることが示唆された。
- ・平成22年まで頻発したような大規模な赤潮がその後観測されなかったため、有明海及び八代海における観測網を拡充させ（H25以降）、さらに他海域も観測に加えて赤潮現象の捕捉に努めたが、大規模な赤潮の前兆に関するデータが取得されていない。しかし、上述の通り、小規模なシャットネラ赤潮の発生前後のデータからも赤潮の予兆となる微生物相の変化が検出されており、また、赤潮の消長を再現する室内実験を行って情報を補うことにより、最終目標の達成は可能である。
- ・以上の赤潮予測に関する成果に加え、魚病のエドワジエラ症（*16）が流行する予兆となるバクテリアオフアージ（*17）を特定し、その定量法を確立した。また、二枚貝の毒化を予察する技術として

麻痺性貝毒（*18）の毒性物質を海水から直接に定量する手法を開発し、貝毒の原因となる藻類のモニタリングを手間のかかる細胞計数から機器分析に移行させる足がかりを得た。

以上のことから、研究目標の達成度及び今後の達成可能性は高い。

3. 研究が社会・経済等に及ぼす効果（アウトカム目標）とその実現に向けた研究成果の普及・実用化の道筋（ロードマップ）の明確性

ランク：A

- ・赤潮発生の直前に出されている予報を3日程度早める技術を開発することにより、養殖業者等による早期の対処を可能とし、赤潮被害額を50%以上低減することをアウトカム目標に掲げた。
- ・この目標を実現するためには、国・都道府県の赤潮対策事業等を通じた連携が不可欠であるため、行政部局と産業界の代表者を含む「委託プロジェクト研究運営委員会」を年3回程度開催し、研究の進捗や直近のニーズに関する意見等を交換し、研究成果が行政施策や生産現場に浸透するように努めた。
- ・本プロジェクト研究で開発されるデータベース、ソフトウェア、DNA検出チップの作成ノウハウ等の成果は、コンソーシアム構成機関である（独）水産総合研究センター等に帰属させ、研究開発の展開と成果の普及・実用化を促進する。
- ・赤潮関連微生物DNA検出チップは、今後、公設試等に普及させることにより、赤潮予報の早期化と漁業被害の低減に関するアウトカム目標の実現を図る予定。
- ・本プロジェクト研究で開発された麻痺性貝毒の定量手法は、「戦略的イノベーション創造プログラム」（内閣府）で実施されている下痢性貝毒の標準物質作成に係る課題とともに、機器分析の導入による貝毒監視の効率化に貢献し、また、麻痺性貝毒の毒量測定を向上させることができる。
- ・アマモ場がシャットネラ赤潮を抑制する可能性を示したことにより、今後の漁場整備の計画・評価等に貢献できる。

以上のことから、研究成果の普及・実用化の道筋の明確性は高い。

4. 研究推進方法の妥当性

ランク：A

- ・研究開始前に実施した事前評価での指摘等を踏まえ、研究計画及び課題を検討し、当該研究分野に多くの知見と経験等を有する機関を対象とした企画競争を経て、適切な研究グループを採択した。
- ・研究開始後においては、学識経験者と産業界の代表者を含む外部有識者4名及び関係する行政部局で構成する「委託プロジェクト研究運営委員会」を、これまで14回（年間3回程度）開催し、研究の進捗状況を踏まえ適切な進行管理を行った。
- ・具体的には、当初計画では赤潮・貝毒及び魚病による漁業被害の予測・抑制技術の開発を目指していたところ、平成25年度計画の策定にあたり、4割の予算削減に対応するため、赤潮関連微生物のDNA解析とデータベース構築を優先し、赤潮に関する漁場環境評価技術の開発を重点化させることにより、課題①の実施課題数を8から5に集約した。さらに赤潮の観測体制の強化を図り、赤潮モニタリング技術の開発に資源を集中させることにより、課題②の実施課題数を12から9に集約した。
- ・また、本委託プロジェクト研究を含む水産関係のプロジェクト研究においては、年1回、運営委員会を合同で開催することにより、研究成果と行政・産業界からのニーズを幅広く共有することに努めた。

以上のことから研究推進方法の妥当性は高い。

【総括評価】

ランク：S

1. 委託プロジェクト研究課題全体の実績に関する所見

本研究において、赤潮関連で特定の微生物を簡易検出できるモニタリングシステムの開発（DNA検出チップ）やアマモ場がシャットネラ赤潮を抑制する可能性を示すなど順調に成果をあげており、高く評価する。

2. 今後検討を要する事項に関する所見

DNA検出チップの製品化等、大きな成果が得られると考えられるので、知財戦略を検討されたい。本事業で得られた研究の成果・効果をより定量的に整理する必要がある。特にバリューチェーンの

川下まで含めた大きな効果をアピールすることを期待する。

[研究課題名] 海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発

用語	用語の意味	番号
赤潮	プランクトンの異常増殖により海や川、運河、湖沼等が着色する現象。水域の富栄養化（水中の栄養分が多くなりすぎる）と関係が強く、有害プランクトン（後述）が増殖すると、養殖されている魚類、貝類を死亡させ多大な漁業被害を及ぼす。	1
貝毒	海水中の有毒なプランクトンを捕食した貝が体内にその毒を蓄え毒化すること。麻痺性と下痢性に大きく分けられる。毒素は加熱しても残るため、毒化が確認された海域では全面的な出荷停止措置がとられる。養殖貝が死亡するわけではないので直接的な被害額は算定されないが、出荷停止による漁業経営への影響が大きい。	2
魚病	一般に魚類の疾病をさす。特に、細菌、真菌（多くはカビ）、原虫およびウイルスなど病原微生物による感染症や寄生虫症が多く、感染・発症すると養殖魚の死亡や商品価値の低下を招く。養殖業に甚大な被害をもたらしている。	3
海洋微生物	海水中に生息する生物のうち、肉眼でその存在が判別できず、顕微鏡などによって観察できる程度以下の大きさの生物をさす。原生動物、微細藻類、細菌等に加え、生物ではないがウイルスも微生物の範疇に含めることが一般的である。	4
メタゲノム解析	土壌、海水などの環境サンプルに含まれる生物のDNA（後述）をまとめて分析する新しい技術。従来の微生物のDNA解析では対象種を単離・培養してDNAを調製したが、メタゲノム解析はこの過程を経ずに、微生物の集団から直接そのDNAを調製し、そのまま塩基配列情報を解析する。従来の方法では困難であった環境中の難培養性微生物のDNA情報が入手可能なため、未知の細菌、未知の遺伝子を解明する手法として期待されている	5
微生物相	ある特定の場（環境）に存在する微生物群集の組成をさす。主に細菌群集について使う場合が多い「腸内細菌相」「海水中の細菌相」など。	6
DNA	デオキシリボ核酸（deoxyribonucleic acid）の略称。核酸の一種で生物の遺伝情報を担う物質。DNAはアデニン(A)、グアニン(G)、シトシン(C)、チミン(T)の4つの塩基から構成されている。	7
物理化学環境	海洋環境のうち、水温、塩分、流況、波浪等の物理的な因子、栄養塩濃度等の化学的な因子をさす。対応する言葉として「生物環境」があり、生物生産性やプランクトン現存量等をさす。	8
原因プランクトン	赤潮や貝毒等の原因となるプランクトン。	9
沿岸漁業	明確な定義はないが、日帰り操業が可能な範囲の水域（漁場）をさす。本プロジェクトでは、概ね水深30メートル以内の内湾域（瀬戸内海や英虞湾など）を対象とする。	10
有害プランクトン	プランクトンの中で、赤潮や貝毒等の原因となる漁業にとって有害な種類をさす。	11
DNAマーカー	生物の種類（個体、種、品種、系統など）や生物群集の組成を遺伝的に識別する際の指標となるDNA塩基配列の領域。	12
解析パイプライン	コンピュータの情報処理課程において、複数の計算工程を効率的に連結することにより、全体の解析速度を高速化する技術。	13
シャットネラ	海水中に生息し、赤潮の原因となる植物性プランクトンの一種。シャットネラ赤潮は魚類の斃死を引き起こし、とりわけ養殖ブリやハマチに対する経済的被害が甚大である。	14
DNAチップ	DNAマイクロアレイとも呼ばれ、ガラス等の基板（チップ）上に数千から数万のDNA断片をスポットとして高密度に配置した分析器具のこと。検体試料中に含まれるチップ上のDNA断片と相同性を持つDNAを一度に検出し、その検体中に含まれるDNAが簡易に特定できる。	15
エドワジエラ症	細菌による感染を原因とする魚類の感染症。感染魚の摂食による人体への影響はないとされる。	16
バクテリオファージ	細菌に感染するウイルスの総称。正式にはバクテリオファージと呼ばれるが、一般には略称であるファージが多く用いられる。特定の細菌に感染し、細菌よりも数多く増殖するため、魚病発生の指標として注目されている。	17
麻痺性貝毒	毒化した貝の摂食により引き起こされる中毒症状のひとつ。しびれ、麻痺、けいれんなどの症状が現れ、最悪の場合、呼吸麻痺により死に至る。	18

持続的な養殖・漁業生産技術の開発

背景

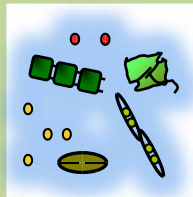
- 我が国の沿岸漁業と養殖業は水産業の主要分野。
- 沿岸漁業と養殖業では、①赤潮など環境由来の漁業被害、②養殖業の天然稚魚への依存、③天然資源の長期的な減少、の解決が再生の鍵。
- これらの課題を解決するため、海洋環境、養殖、資源・生態等、水産分野における研究勢力を集結した包括的な技術開発が必要。

	漁業全体	沿岸+養殖(全体比)
H22生産量(万トン)	532	240(45%)
H18生産額(兆円)	1.6	1.0(62%)
H20経営体数(千団体)	122	113(93%)

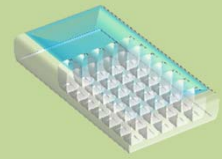
研究内容

1. 海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発

- 網羅的なDNA解析により赤潮等の発生と海洋微生物群の関係を解明



- 特定微生物を簡易検出できるDNAチップを搭載したモニタリングシステムを開発



2. 天然資源に依存しない持続的な養殖生産技術の開発

- 成熟産卵のコントロール技術開発
- 低コスト・大量生産技術の開発
- 高品質な養殖用原魚の供給技術の開発



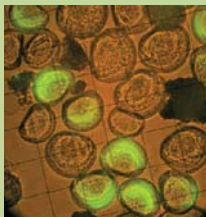
シラスウナギ1万尾生産



クロマグロ稚魚10万尾生産

3. 生態系ネットワーク修復による持続的な沿岸漁業生産技術の開発

- ネットワークの実証とモデル化



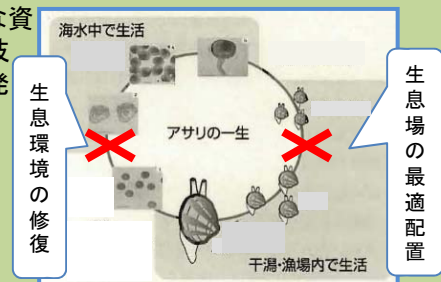
先端技術による生物追跡

- 優良な生息場所の環境構造解明



自然状態でも資源が維持される干潟

- ネットワーク分断箇所の特定・修復による自律的な資源回復技術の開発



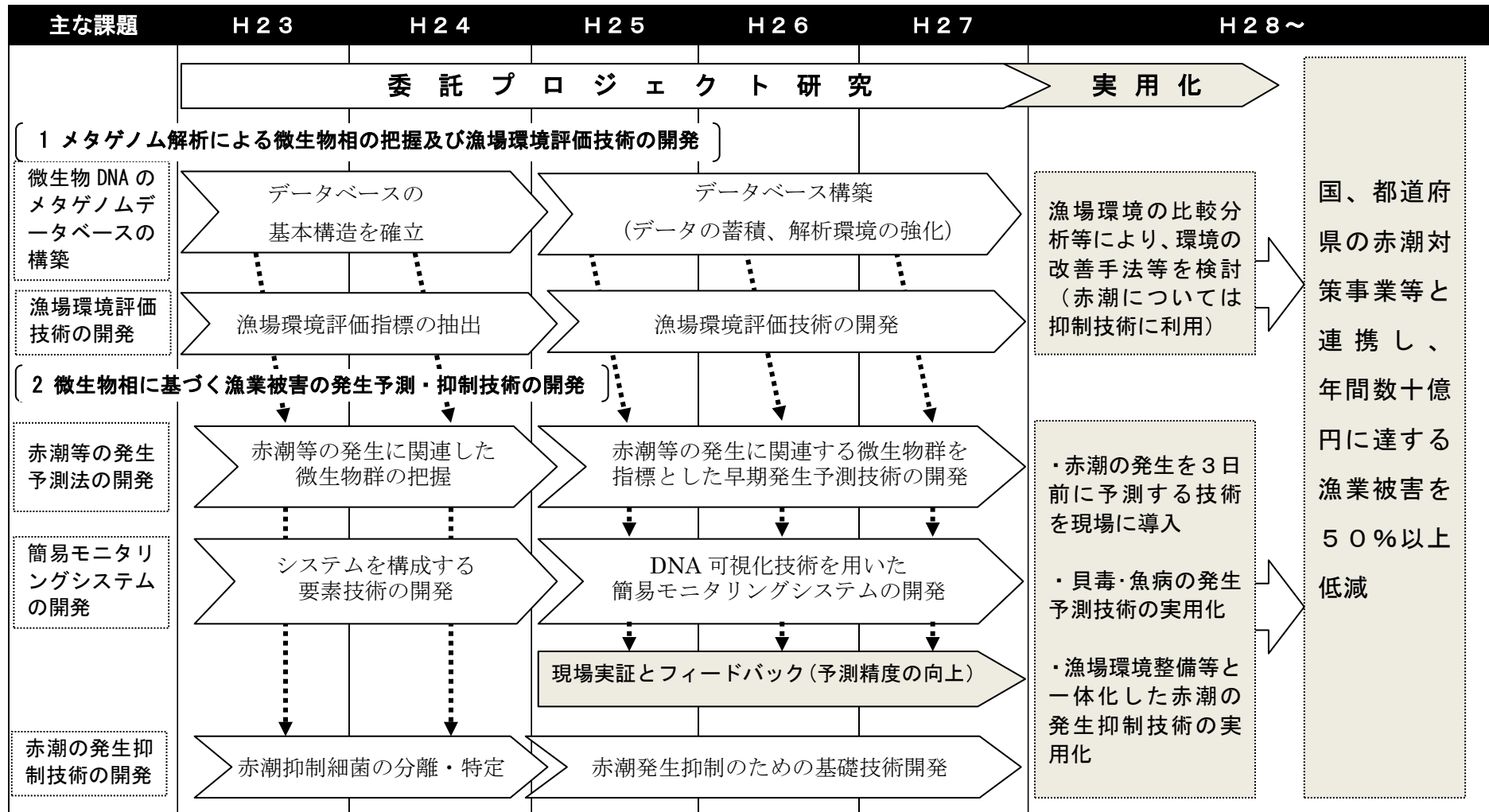
到達目標

- ☆赤潮発生を3日程度早く予測し、赤潮被害額を50%以上低減する技術を開発(H27年度)
- ☆低コストで高品質な養殖用人工稚魚を安定的に大量生産する技術を開発(H28年度)
- ☆減少を続ける沿岸漁業資源の生産量を自律的に回復させる技術を開発(H29年度)

アウトカム目標

沿岸漁業資源の回復と養殖生産の安定化を実現し、水産基本計画における漁業生産目標の達成に寄与(H22年度の409万トン(H17年度水準)をH34年度までに449万トン(H22年度水準)に回復させる)

ロードマップ【海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発】



メタゲノム解析による微生物相の把握及び環境評価技術の開発(平成23年度開始)

[研究目標]

平成27年度までに、微生物DNAの基礎情報を蓄積するためのメタゲノムデータベースを構築し、データの収集を行う。微生物DNAによるメタゲノム解析、物理化学環境、原因プランクトン密度等のデータを複合的に利用した漁場環境評価技術を開発する。

[平成26年度までの主な研究成果]

- ・環境評価基準を作成するための基礎技術(DNA抽出、配列解析、データ解析等)が確立された。
- ・本課題用のメタゲノムデータベース及びデータ解析環境を構築し、運用されている。
- ・これまでに細菌62サンプル、プランクトン62サンプルのメタゲノムデータ、ファージ等25サンプルのフルゲノムデータを取得し、データベースへ登録している。(図1)
- ・赤潮発生もしくは未発生に伴うDNAマーカー候補群を抽出した。(図2)

図1 メタゲノムデータベースおよびデータ登録状況

メタゲノムデータベース登録件数 (2015-01-29 19:30:57 現在)

登録件数

サンプリング数	サンプルDNA・RNA抽出情報			
	細菌	ウイルス	プランクトン	シャットネラ増殖抑制細菌RNA
739	698	131	61	1

DNA配列情報

	データ区分					合計
	細菌	ウイルス	プランクトン	シャットネラ増殖抑制細菌RNA	フルゲノム・その他	
配列登録件数	155	14	464	1	79	713
配列数	664,409,261	124,200,547	13,769,634	7,672	33,390,737	835,777,851
総塩基数(bp)	185,246,271,122	19,752,841,713	6,183,933,587	4,022,989	7,160,509,818	218,347,579,229

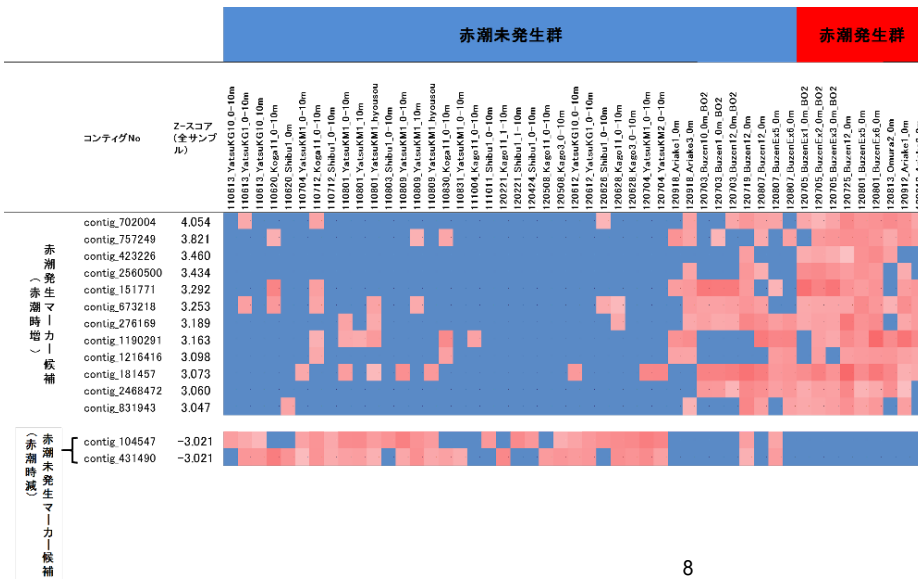


図2 赤潮未発生群もしくは赤潮発生群に連動したDNA配列候補(14配列;各行)の49サンプル(各列)内の分布

- ・上から12配列が赤潮発生群に連動し、下の2配列が赤潮未発生群に連動している。
- ・赤が存在量が大きく、青が少ないことを示している。

メタゲノム解析*による微生物相の把握および環境評価技術の開発(平成23年度開始)

(*メタゲノム解析では、環境中の生物相を「形態」ではなく「遺伝子断片」で網羅的に測定・評価する)

[研究目標]

平成27年度までに、海水中の微生物相を把握するためのメタゲノム解析手法を開発し、赤潮等発生の指標となる微生物群を特定してその簡易モニタリングシステムを開発し、早期の被害発生予測技術を開発する。

[平成26年度までの主な研究成果]

- ・赤潮発生海域でメタゲノムデータを効率的に取得する技術を開発した(図1)。
- ・赤潮予測の指標生物候補として3種のプランクトンを明らかにした。
- ・指標生物検出のために、低価格で利便性の高い技術を開発した(図2)。
- ・主要な有害赤潮プランクトンを複数種同時に、かつ高感度に検出・定量する技術を確立した。
- ・魚類の病原体を殺すファージの定量検出技術を確立し、魚病の流行との関連性を明らかにした。
- ・麻痺性貝毒の原因プランクトンを含む海水カラム中の毒量分析方法を確立した。
- ・赤潮生物を殺す細菌を複数分離・同定し、その定量系や分布、殺藻特性を明らかにした。

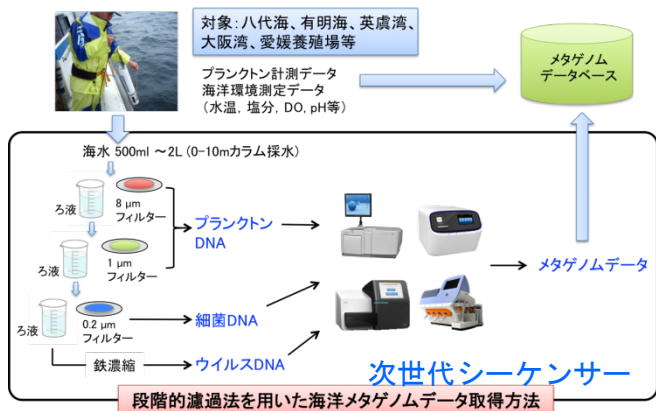
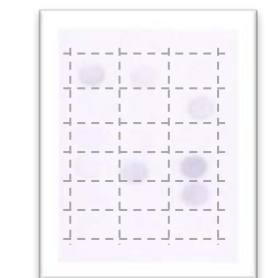


図1: 海洋メタゲノムデータ取得技術の開発

海水を段階的に濾過して、プランクトン、細菌、ウイルスを各フィルター上に集め、各フィルターからDNAを抽出し、次世代シーケンサーによりメタゲノムデータを取得する一連の技術を開発した。



シャットネラを対象としたDNAチップ

赤潮モデル生物シャットネラDNA可視化検出実験

株式会社TBA製“STH-PAS”
(STH: Single Tag Hybridization)

PAS製品形態



シャットネラ検出

図2: 簡易モニタリングシステムの開発

赤潮原因プランクトンであるシャットネラをモデル生物として使用して、可視化DNAチップによる検出系を構築し、さらに、低価格で利便性の優れた技術を特定した。

赤潮指標生物について、同様のチップを開発する見込み。

論文数等共通事項調査票

(平成27年1月29日調査時点)

事業名	海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発					
実施期間	平成23～27年度			評価段階	終了時	
予算額 (百万円)	初年度 (23年度)	2年度目 (24年度)	3年度目 (25年度)	4年度目 (26年度)	5年度目 (27年度)	総合計
	141	113	77	77	62	470

項目	① 査読論文	②国内 特許権等 出願	③海外 特許権等 出願	④国内 品種登録 出願	⑤ プレス リリース	⑥ アウトリーチ 活動
実績件数	11	0	0	0	0	15

具体的な実績
①査読論文
<p>① Yasuike M, Sugaya E, Nakamura Y, Shigenobu Y, Kawato Y, Kai W, Fujiwara A, Sano M, Kobayashi T, Nakai T (2013) Complete genome sequences of Edwardsiella tarda-lytic bacteriophages KF-1 and IW-1. Genome Announc. 1(1):e00089-12.</p> <p>② 長井 敏、亀田卓彦、重信裕弥、藤原篤志、中村洋路「海洋プランクトンの生物多様性研究におけるメタゲノム網羅解析の実践」DNA多型Vol.20: 321-324 (2012).</p> <p>③ Imai I Yamaguchi M 「Life cycle physiology ecology and red tide occurrences of the fish-killing raphidophyte Chattonella」 Harmful Algae 10 46-70 2012.</p> <p>④ Yasuike M, Sugaya E, Nakamura Y, Shigenobu Y, Kawato Y, Kai W, Fujiwara A, Sano M, Kobayashi T, Nakai T (2013) Complete genome sequences of Edwardsiella tarda-lytic bacteriophages KF-1 and IW-1. Genome Announc. 1(1):e00089-12.</p> <p>⑤ Motoshige Yasuike, Emi Sugaya, Yoji Nakamura, Yuya Shigenobu, Yasuhiko Kawato, Wataru Kai, Satoshi Nagai, Atushi Fujiwara, Motohiko Sano, Takanori Kobayashi, Toshihiro Nakai(2013) Complete genome sequence of a novel myovirus which infects atypical strains of Edwardsiella tarda. Genome Announcements 1(1):e00248-12.doi:10.1128/genomeA.00248-12</p> <p>⑥ Yasuike M., Kai W., Nakamura Y., Kawato Y., Hassan E.S., Mahmoud M.M., Nagai S., Fujiwara A., Kobayashi T., Ototake M. and Nakai T. (2014) Complete genome sequences of Edwardsiella ictaluri-specific bacteriophages, PEi2 and PEi21, isolated from the river water in Japan. Genome Announcement. Mar-Apr; 2(2): e00228-14.</p> <p>⑦ 及川寛・山本圭吾・長井敏「海水試料の毒量分析による麻痺性貝毒モニタリング手法の開発と検証」水産技術 6(2):161-167 (2014)</p> <p>⑧ Ito, T., Yoshiura, Y., Kamaishi, T., Yoshida, K. & Nakajima, K. (2013). Prevalence of red sea bream iridovirus (RSIV) among organs of Japanese amberjack (Seriola quinqueradiata) exposed to cultured RSIV. Journal of General Virology (2013), 94, 2094-2101</p> <p>⑨ Ito, T., Yoshiura, Y., Kamaishi, T. & Nakajima, K. (2013). Dynamics of virus titer and quantity of red sea bream iridovirus DNA using natural and autoclaved artificial sea water under different water temperatures. Bulletin of the European Association of Fish Pathologists 33, 118-125</p> <p>⑩ Kawato Y., Yasuike M., Nakamura Y., Shigenobu Y., Fujiwara A., Sano M. and Nakai T. (2015) Complete genome sequence of two Pseudomonas plecoglossicida phages to evaluate the qualification as therapeutic agents. Appl. Environ. Microbiol. February 2015 81:3 874-881</p> <p>⑪ Inaba N, Watanabe T, Sakami T, Nishi H, Tahara Y, Imai I, Temporal and spatial distribution of algicidal and growth-inhibiting bacteria in the coastal sea of southwest Japan, J. Plankton Res. (2013) 0(0): 1-10.</p>
②③④(国内外)特許権等出願・品種登録
なし
⑤プレスリリース
なし

⑥アウトリーチ活動(研究活動の内容や成果を社会・国民に対して分かりやすく説明する等の双方向コミュニケーション活動)
<p>① 佐藤行人「水圏海洋の進化生態研究における次世代シーケンサ活用」第14回日本進化学会大会ワークショップ5『海洋生物多様性:進化学フロンティアとしての海洋の再発見』、2012年8月21日、(首都大学東京南大沢キャンパス)</p> <p>② 坂見知子、「微生物ゲノム情報を利用した漁場環境評価の試み」テクノオーシャン2012シンポジウム「安心の海、そして豊の海へ」、平成24年11月19日、神戸市(神戸国際会議場)</p> <p>③ 長井 敏、安池元重、中村洋路、西川哲也、藤原篤志「次世代シーケンスによるプランクトンモニタリング手法の開発」. 日本進化学会第14回大会ワークショップ、2012年8月21日、八王子市(首都大学)</p> <p>④ 安池元重、中村洋路、甲斐 渉、藤原篤志、長井 敏、安東秀徳、西 広海、小林敬典、佐野元彦「時系列データを用いた沿岸プランクトン動態の解析」. 日本進化学会第14回大会ワークショップ、2012年8月21日、八王子市(首都大学)</p> <p>⑤ 長井 敏「水産ゲノム研究のビッグバンー水産におけるゲノム情報の活用ーゲノム情報で海を探るーメタゲノム解析による海洋生物の多様性と環境評価」第9回水産総合研究センター成果発表会、2012年3月15日、東京都(日本消防会館)</p> <p>⑥ 長井 敏「454パイロシーケンシング技術による日本沿岸域のプランクトン多様性研究について」国際水圏メタゲノムシンポジウム、2013年11月23日、東京都(北里大学)</p> <p>⑦ 山本圭吾、貝塚市立自然遊学館ミュージアムトーク「大阪湾のプランクトンの現状」(平成24年8月11日、貝塚市立自然遊学館)</p> <p>⑧ 今井一郎、北太平洋海洋科学機構(PICES)2012年年次会合「History of eutrophication and harmful algal bloom (HAB) events in the Seto Inland Sea of Japan and a proposal for prevention strategies for HABs using seaweed- and seagrass-beds」(平成24年11月、広島)</p> <p>⑨ 今井一郎(2012)「シャットネラ赤潮の生物学」単行本:184ページ、出版社:生物研究社、ISBN-10:4915342654</p> <p>⑩ 今井一郎(2012)「有害有毒赤潮の発生から沿岸域を守る」p.29-48、シリーズ21世紀の農学 環境の保全と修復に貢献する農学研究、出版社:養賢堂、ISBN 978-4-8425-0499-5</p> <p>⑪ Satoshi Nagai, Kousuke Hida, Motoshige Yasuike, Atushi, Fujiwara, Yoji Nakamura, Seiji Katakura, Souji Hamaoka「Biodiversity study of marine eukaryotes by metagenome analysis」第28回北方圏国際シンポジウム</p> <p>⑫ 長井 敏、飛田晃介、安池元重、中村洋路、藤原篤志、田邊晶史、片倉靖次、「メタゲノム解析における18S-rRNA遺伝子3領域の有効性比較」第29回北方圏国際シンポジウム</p> <p>⑬ 長井 敏、飛田晃介、田邊晶史、安池元重、藤原篤志、高野義人、中村洋路、及川 寛、山本圭吾、「メタゲノミクスによるプランクトンモニタリングの実践(植物プランクトンを中心に)」. 日本プランクトン学会2014年春季シンポジウム</p> <p>⑭ 坂本節子・山口峰生「Cochlodinium polykrikoides赤潮」平成 25年度日本水産学会秋季大会シンポジウム:有害有毒プランクトンの分類・生理・生態・生活史・個体群動態(平成25年9月22日、三重大学)</p> <p>⑮ 国際水圏メタゲノムシンポジウムの開催(平成25年11月23・24)</p>
その他(行政施策等に貢献した事例)
なし
今後予定しているアウトリーチ活動等
なし